

# Обзор протеома археи *Methanococcus maripadulis* C6

Барсукова Анастасия Игоревна

## Резюме

В данной работе представлен анализ генома и протеома археи *Methanococcus maripadulis* C6. С помощью программы MS Excel было выявлено число генов белков по категории: рибосомальные, транспортные, гипотетические, все остальные. Также было рассчитано число генов РНК по категории: транспортные, рибосомальные, все остальные. Кроме того, была составлена гистограмма белков из протеома археи и таблица числа генов белков, псевдогенов и генов РНК на прямой и комплементарной цепочках ДНК.

## Ключевые слова

Биоинформатика, Excel, геном, архея, *Methanococcus maripadulis*.

## Введение

*Methanococcus maripadulis* относится к метаногенам – организмам, выделяющим метан в качестве продукта обмена веществ. Представляет собой анаэробный, малоподвижный, неспорообразующий организм, не имеющий ядра (прокариот). *Methanococcus maripadulis* был первым поддавшимся генетической обработке гидрогенотрофным метаногенным видом, который можно использовать для генетического анализа метаболизма других видов метаногенных архей. *Methanococcus maripadulis* – идеальная видовая модель, поскольку обладает эффективными генетическими инструментами и способна к быстрому репродуктивному росту. *Methanococcus maripadulis* полезен в совершенствовании методов выращивания растений в умеренно твёрдой почве, обогащении ауксотрофных мутантов и случайном введении в действие генов. В данной работе был изучен геном *Methanococcus maripadulis* C6.

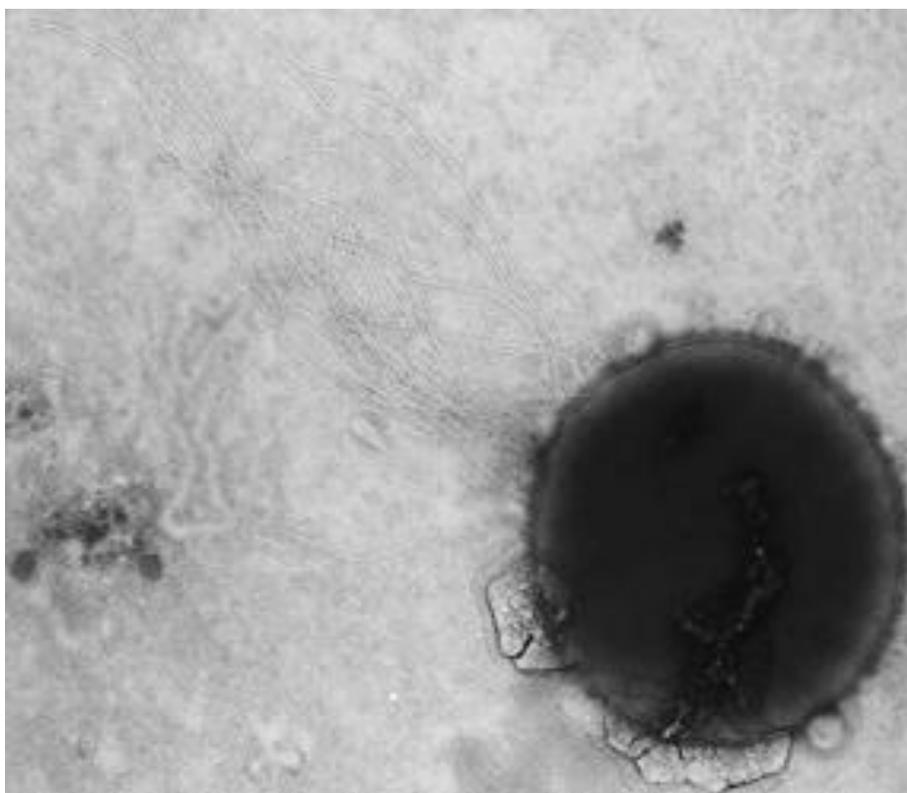


Рисунок 1. *Methanococcus maripadulis*, электронная микрофотография

## Материалы и методы

Геном был скачан с сайта NCBI из банка RefSeq.

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/genomes/669>

Для обработки информации, предоставленной сайтом NCBI, был использован MS Office Excel 2016.

Адрес скачанного файла:

[ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/all/GCF/000/018/485/GCF\\_000018485.1\\_ASM1848v1](ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/all/GCF/000/018/485/GCF_000018485.1_ASM1848v1)

## Результаты и обсуждение

strand	number_of_protein_genes	number_of_pseudogenes	number_of_RNA_genes
positive_strand	880	10	26
negative_strand	953	7	22
total	1833	17	48

Таблица 1. Число генов белков, псевдогенов и генов РНК на прямой и комплементарной цепи

Из Таблицы 1. Число генов белков, псевдогенов и генов РНК на прямой и комплементарной цепи видно, что большую часть генов в геноме археи занимают гены, кодирующие белок (почти 97%). Намного меньшее число генов (2,5%) кодирует РНК, и лишь 0,5% генов составляют так называемые псевдогены — нефункциональные аналоги структурных генов, утратившие способность кодировать белок и не экспрессирующиеся в клетке.

Strand	hypothetical	ribosomal	transport	other
positive_strand	250	19	44	567
negative_strand	252	42	57	602
Total	502	61	101	1169

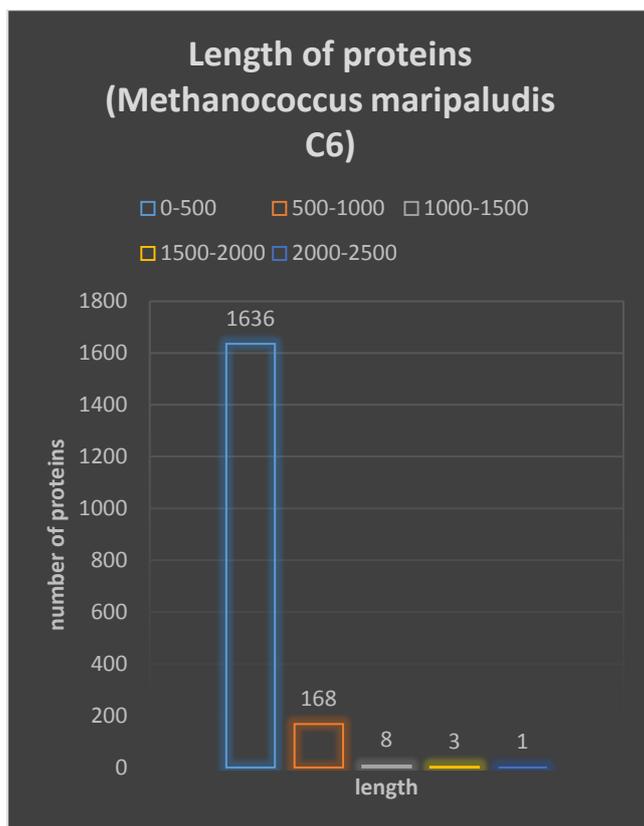
Таблица 2. Число генов белков по категориям: гипотетические, рибосомальные, транспортные, др.

Из данных Таблицы 2. Число генов белков по категориям: гипотетические, рибосомальные, транспортные, др. становится ясно, что наименьшее число генов среди кодирующих белки кодируют рибосомальные белки(61), чуть большее число белков составляют транспортные (101), 502 гена кодируют гипотетические белки. Подавляющее большинство генов кодируют остальные белки (1169).

number_of_RNA_genes	RNA			
Chain	Other (ncRNA)	rRNA	tRNA	total
-	1	1	20	22
+	1	9	16	26

Таблица 3. Число генов РНК по категориям: гипотетические, рибосомальные, транспортные, др.

Из Таблицы 3. Число генов РНК по категориям: гипотетические, рибосомальные, транспортные, др. можно выяснить, что РНК закодировано совсем немного по сравнению с белками. Также видно, что, по большей части, в геноме археи закодирована именно тРНК. Кроме того, нетрудно заметить, что под категорию остальных РНК в геноме попала всего одна – некодирующая, это дает понять, что лишь две молекулы РНК (одна на прямой цепи, вторая на комплементарной) не транскрибируются в белки.



Гистограмма 1. Распределение белков по их длине

Для наглядности была составлена Гистограмма 1. Распределение белков по их длине, которая позволяет оценить количество белков, имеющих длины от 0 до 2500 с шагом в 500 аминокислот. Больше всего оказалось белков длиной от 0 до 500 аминокислот, меньше всего – белков длиной от 2000 до 2500 аминокислот.

min_length	max_length	average	deviation	median
42	2168	278,6784141	187,204	239

Таблица 4. Статистические данные о длине белков

Из Таблицы 4. Статистические данные о длине белков можно выяснить следующее: самый большой белок в геноме археи достигает длины 2168 аминокислот, самый маленький – 42 аминокислоты. Среднеквадратическое отклонение составляет 187,204 аминокислоты, медиана – 239 аминокислот. В среднем длина белков *Methanococcus maripaludis* C6 составляет чуть более 278 аминокислот, это означает, что протеом и геном данной археи относительно просто изучить, и это позволяет использовать организм в качестве модельного объекта для изучения архей данного вида.

## Сопроводительные материалы

Сопроводительный материал 1. Таблица Excel с геномом археи *Methanococcus maripaludis* C6.

<https://kodomo.fbb.msu.ru/~spyro/term1/pr13.xlsx>

## Благодарности

Хочу поблагодарить Елизавету Силинг, Егора Косарецкого и Софью Гайдукову за помощь в составлении обзора.

## Список литературы

1. [https://en.wikipedia.org/wiki/Methanococcus\\_maripaludis](https://en.wikipedia.org/wiki/Methanococcus_maripaludis)
2. [https://microbewiki.kenyon.edu/index.php/Methanococcus\\_maripaludis](https://microbewiki.kenyon.edu/index.php/Methanococcus_maripaludis)
3. <http://kodomofbb.msu.ru/~blackdaffodil/projects/Methanococcus%20maripaludis/metmc.jpg>